Universidade do Minho
Escola de Engenharia

Cálculo de Programas

Trabalho Prático (2025/26)

Lic. em Ciências da Computação

Lic. em Engenharia Informática

Grupo G05

a106936 Duarte Escairo
a106932 Luís Soares
a106856 Tiago Figueiredo

janeiro 2026

Preâmbulo

Em Cálculo de Programas pretende-se ensinar a programação de computadores como uma disciplina científica. Para isso parte-se de um repertório de *combinadores* que formam uma álgebra da programação e usam-se esses combinadores para construir programas *composicionalmente*, isto é, agregando programas já existentes.

Na sequência pedagógica dos planos de estudo dos cursos que têm esta disciplina, opta-se pela aplicação deste método à programação em Haskell (sem prejuízo da sua aplicação a outras linguagens funcionais). Assim, o presente trabalho prático coloca os alunos perante problemas concretos que deverão ser implementados em Haskell. Há ainda um outro objectivo: o de ensinar a documentar programas, a validá-los e a produzir textos técnico-científicos de qualidade.

Antes de abordarem os problemas propostos no trabalho, os grupos devem ler com atenção o anexo A onde encontrarão as instruções relativas ao *software* a instalar, etc.

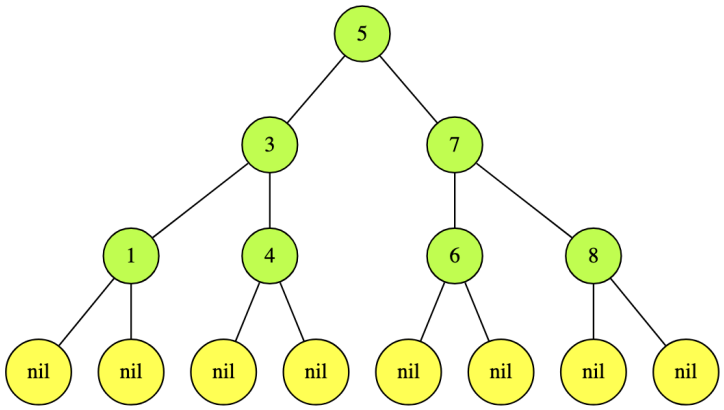
Valoriza-se a escrita de *pouco* código que corresponda a soluções simples e elegantes que utilizem os combinadores de ordem superior estudados na disciplina.

Avaliação. Faz parte da avaliação do trabalho a sua defesa por parte dos elementos de cada grupo. Estes devem estar preparados para responder a perguntas sobre *qualquer* dos problemas deste enunciado. A prestação *individual* de cada aluno nessa defesa oral será uma componente importante e diferenciadora da avaliação.

Problema 1

Uma serialização (ou travessia) de uma árvore é uma sua representação sob a forma de uma lista. Na biblioteca *BTree* encontram-se as funções de serialização *inordt*, *preordt* e *postordt*, que fazem as travessias *in-order*, *pre-order* e *post-order*, respectivamente. Todas essas travessias são catamorfismos que percorrem a árvore argumento em regime *depth-first*.

Pretende-se agora uma função *bforder* que faça a travessia em regime *breadth-first*, isto é, por níveis. Por exemplo, para a árvore t_1 dada em anexo e mostrada na figura a seguir,



a função deverá dar a lista

$$[5, 3, 7, 1, 4, 6, 8]$$

em que se vê como os níveis 5, depois $3, 7$ e finalmente $1, 4, 6, 8$ foram percorridos.

Pretendemos propor duas versões dessa função:

1. Uma delas envolve um catamorfismo de *BTree*s:

$$bfsLevels :: BTree\ a \to [a]$$
$$bfsLevels = concat \cdot levels$$

   Complete a definição desse catamorfismo:

$$levels :: BTree\ a \to [[a]]$$
$$levels = (\!|glevels|\!)$$

2. A segunda proposta,

$$bft :: BTree\ a \to [a]$$

   deverá basear-se num anamorfismo de listas.

Sugestão: estudar o artigo [2] cujo PDF está incluído no material deste trabalho. Quando fizer testes ao seu código pode, se desejar, usar funções disponíveis na biblioteca *Exp* para visualizar as árvores em GraphViz (formato .dot).

Justifique devidamente a sua resolução, que deverá vir acompanhada de diagramas explicativos. Como já se disse, valoriza-se a escrita de *pouco* código que corresponda a soluções simples e elegantes que utilizem os combinadores de ordem superior estudados na disciplina.

Problema 2

Considere a seguinte função em Haskell:

$$\begin{aligned}
&f\ x = wrapper \cdot worker\ \mathbf{where}\\
&\quad wrapper = head\\
&\quad worker\ 0 = start\ x\\
&\quad worker\ (n+1) = loop\ x\ (worker\ n)\\
&loop\ x\ [s,\quad h,\quad k,j,\quad m\ ] =\\
&\qquad [h\ /\ k+s, x\uparrow 2 * h, k * j, j+m, m+8]\\
&start\ x = [x, x\uparrow 3, 6, 20, 22]
\end{aligned}$$

Pode-se provar pela lei de recursividade mútua que $f\ x\ n$ calcula o seno hiperbólico de x, $sinh\ x$, para n aproximações da sua série de Taylor. Faça a derivação da função dada a partir da referida série de Taylor, apresentando todos os cálculos justificativos, tal como se faz para outras funções no capítulo respectivo do texto base desta UC [3].

Problema 3

Quem em Braga observar, ao fim da tarde, o tráfego onde a Avenida Clairmont Fernand se junta à N101, aproximadamente na coordenada 41°33'46.8"N 8°24'32.4"W — ver as setas da figura que se segue — reparará nas sequências imparáveis (infinitas!) de veículos provenientes dessas vias de circulação.

Mas também irá observar um comportamento interessante por parte dos condutores desses veículos: por regra, *cada carro numa via deixa passar, à sua frente, exactamente outro carro da outra via.*

Este comportamento *civilizado* chama-se *fair-merge* (ou *fair-interleaving*) de duas sequências infinitas, também designadas *streams* em ciência da computação. Seja dado o tipo dessas sequências em Haskell,

$$\textbf{data}\ Stream\ a = Cons\ (a, Stream\ a)\ \textbf{deriving}\ Show$$

para o qual se define também:

$$\text{out}\ (Cons\ (x, xs)) = (x, xs)$$

O referido comportamento civilizado pode definir-se, em Haskell, da forma seguinte:[1]

$$\begin{array}{l} fair\_merge :: (Stream\ a, Stream\ a) + (Stream\ a, Stream\ a) \to Stream\ a \\ fair\_merge = [h, k]\ \textbf{where} \\ \quad h\ (Cons\ (x, xs), y) = Cons\ (x, k\ (xs, y)) \\ \quad k\ (x, Cons\ (y, ys)) = Cons\ (y, h\ (x, ys)) \end{array}$$

Defina *fair_merge* como um **anamorfismo** de *Stream*s, usando o combinador

$$[\!(g)\!] = Cons \cdot (id \times [\!(g)\!]) \cdot g$$

e a seguinte estratégia:

- Derivar a lei **dual** da recursividade mútua,

$$[f, g] = [\!(\,[h, k]\,)\!] \quad \equiv \quad \begin{cases} out \cdot f = \mathsf{F}\ [f, g] \cdot h \\ out \cdot g = \mathsf{F}\ [f, g] \cdot k \end{cases} \tag{1}$$

  tal como se fez, nas aulas, para a que está no formulário.

- Usar (1) na resolução do problema proposto.

Justificar devidamente a resolução, que deverá vir acompanhada de diagramas explicativos.

Problema 4

Como se sabe, é possível pensarmos em catamorfismos, anamorfismos etc *probabilísticos*, quer dizer, programas recursivos que dão distribuições como resultados. Por exemplo, podemos pensar num combinador

$$pcataList :: (() + (a, b) \to \text{Dist}\ b) \to [a] \to \text{Dist}\ b$$

[1] O facto das sequências serem infinitas não nos deve preocupar, pois em Haskell isso é lidado de forma transparente por lazy evaluation.

que é muito parecido com

$$(\!|\cdot|\!) :: ((() + (a,b) \to b) \to [a] \to b$$

da biblioteca List. A principal diferença é que o gene de *pcataList* é uma função probabilística.

Como exemplo de utilização, recorde-se que $(\!|\,[zero, add]\,|\!)$ soma todos os elementos da lista argumento, por exemplo:

$$(\!|\,[zero, add]\,|\!)\ [20, 10, 5] = 35.$$

Considere-se agora a função *padd* (adição probabilística) que, com probabilidade 90% soma dois números e com probabilidade 10% os subtrai:

$$padd\ (a,b) = D\ [(a+b, 0.9), (a-b, 0.1)]$$

Se se correr

$$d4 = pcataList\ [pzero, padd]\ [20, 10, 5]\ \textbf{where}\ pzero = return \cdot zero$$

obter-se-á:

```
35  81.0%
25   9.0%
 5   9.0%
15   1.0%
```

Com base neste exemplo, resolva o seguinte

> ***Problema**: Uma unidade militar pretende enviar uma mensagem urgente a outra, mas tem o aparelho de telegrafia meio avariado. Por experiência, o telegrafista sabe que a probabilidade de uma palavra se perder (não ser transmitida) é 5%; e que, no final de cada mensagem, o aparelho envia o código* `"stop"`*, mas (por estar meio avariado), falha 10% das vezes.*
>
> *Qual a probabilidade de a palavra* `"atacar"` *da mensagem*
>
> $$words\ \texttt{"Vamos atacar hoje"}$$
>
> *se perder, isto é, o resultado da transmissão ser* `["Vamos","hoje","stop"]`*? E a de seguirem todas as palavras, mas faltar o* `"stop"` *no fim? E a da transmissão ser perfeita?*

Responda a estas perguntas encontrando *gene* tal que

$$transmitir = pcataList\ gene$$

descreve o comportamento do aparelho. Justificar devidamente a resolução, que deverá vir acompanhada de diagramas explicativos.

Anexos

A Natureza do trabalho a realizar

Este trabalho teórico-prático deve ser realizado por grupos de 3 alunos. Os detalhes da avaliação (datas para submissão do relatório e sua defesa oral) são os que forem publicados na página da disciplina na *internet*.

Recomenda-se uma abordagem participativa dos membros do grupo em **todos** os exercícios do trabalho, para assim poderem responder a qualquer questão colocada na *defesa oral* do relatório.

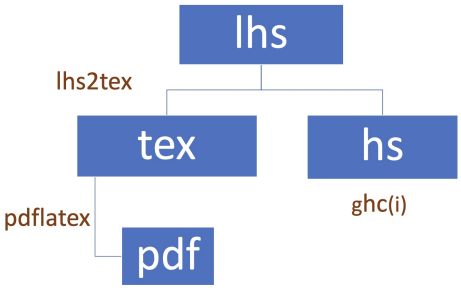
Para cumprir de forma integrada os objectivos do trabalho vamos recorrer a uma técnica de programação dita "literária" [1], cujo princípio base é o seguinte:

> *Um programa e a sua documentação devem coincidir.*

Por outras palavras, o **código fonte** e a **documentação** de um programa deverão estar no mesmo ficheiro.

O ficheiro `cp2526t.pdf` que está a ler é já um exemplo de programação literária: foi gerado a partir do texto fonte `cp2526t.lhs`[1] que encontrará no material pedagógico desta disciplina descompactando o ficheiro `cp2526t.zip`.

Como se mostra no esquema abaixo, de um único ficheiro (*lhs*) gera-se um PDF ou faz-se a interpretação do código Haskell que ele inclui:



Vê-se assim que, para além do GHCi, serão necessários os executáveis pdflatex e lhs2TeX. Para facilitar a instalação e evitar problemas de versões e conflitos com sistemas operativos, é recomendado o uso do Docker tal como a seguir se descreve.

B Docker

Recomenda-se o uso do container cuja imagem é gerada pelo Docker a partir do ficheiro `Dockerfile` que se encontra na diretoria que resulta de descompactar `cp2526t.zip`. Este container deverá ser usado na execução do GHCi e dos comandos relativos ao LaTeX. (Ver também a `Makefile` que é disponibilizada.)

Após instalar o Docker e descarregar o referido zip com o código fonte do trabalho, basta executar os seguintes comandos:

```
$ docker build -t cp2526t .
$ docker run -v ${PWD}:/cp2526t -it cp2526t
```

NB: O objetivo é que o container seja usado *apenas* para executar o GHCi e os comandos relativos ao LaTeX. Deste modo, é criado um *volume* (cf. a opção `-v ${PWD}:/cp2526t`) que permite que a diretoria em que se encontra na sua máquina local e a diretoria `/cp2526t` no container sejam partilhadas.

Pretende-se então que visualize/edite os ficheiros na sua máquina local e que os compile no container, executando:

[1] O sufixo 'lhs' quer dizer *literate Haskell*.

```
$ lhs2TeX cp2526t.lhs > cp2526t.tex
$ pdflatex cp2526t
```

lhs2TeX é o pre-processador que faz "pretty printing" de código Haskell em LaTeX e que faz parte já do container. Alternativamente, basta executar

```
$ make
```

para obter o mesmo efeito que acima.

Por outro lado, o mesmo ficheiro `cp2526t.lhs` é executável e contém o "kit" básico, escrito em Haskell, para realizar o trabalho. Basta executar

```
$ ghci cp2526t.lhs
```

Abra o ficheiro `cp2526t.lhs` no seu editor de texto preferido e verifique que assim é: todo o texto que se encontra dentro do ambiente

```
\begin{code}
...
\end{code}
```

é seleccionado pelo GHCi para ser executado.

C Em que consiste o TP

Em que consiste, então, o *relatório* a que se referiu acima? É a edição do texto que está a ser lido, preenchendo o anexo G com as respostas. O relatório deverá conter ainda a identificação dos membros do grupo de trabalho, no local respectivo da folha de rosto.

Para gerar o PDF integral do relatório deve-se ainda correr os comando seguintes, que actualizam a bibliografia (com BibTeX) e o índice remissivo (com `makeindex`),

```
$ bibtex cp2526t.aux
$ makeindex cp2526t.idx
```

e recompilar o texto como acima se indicou. (Como já se disse, pode fazê-lo correndo simplesmente `make` no container.)

No anexo F disponibiliza-se algum código Haskell relativo aos problemas que são colocados. Esse anexo deverá ser consultado e analisado à medida que isso for necessário.

Deve ser feito uso da programação literária para documentar bem o código que se desenvolver, em particular fazendo diagramas explicativos do que foi feito e tal como se explica no anexo D que se segue.

D Como exprimir cálculos e diagramas em LaTeX/lhs2TeX

Como primeiro exemplo, estudar o texto fonte (lhs) do que está a ler[1] onde se obtém o efeito seguinte:[2]

$$\begin{array}{ll} & id = \langle f, g\rangle \\ \equiv & \quad \{\ \text{universal property}\ \} \end{array}$$

[1] Procure e.g. por `"sec:diagramas"`.

[2] Exemplos tirados de [3].

$$
\begin{cases} \pi_1 \cdot id = f \\ \pi_2 \cdot id = g \end{cases}
$$

$$
\equiv \quad \{ \text{ identity } \}
$$

$$
\begin{cases} \pi_1 = f \\ \pi_2 = g \end{cases}
$$

$$
\square
$$

Os diagramas podem ser produzidos recorrendo à *package* xymatrix, por exemplo:

$$
\begin{array}{ccc}
\mathbb{N}_0 & \xleftarrow{\text{in}} & 1 + \mathbb{N}_0 \\
{\scriptstyle (\!|g|\!)}\downarrow & & \downarrow{\scriptstyle id + (\!|g|\!)} \\
B & \xleftarrow[g]{} & 1 + B
\end{array}
$$

E O mónade das distribuições probabilísticas

Mónades são functores com propriedades adicionais que nos permitem obter efeitos especiais em programação. Por exemplo, a biblioteca Probability oferece um mónade para abordar problemas de probabilidades. Nesta biblioteca, o conceito de distribuição estatística é captado pelo tipo

$$
\textbf{newtype}\ \text{Dist}\ a = D\ \{unD :: [(a, ProbRep)]\} \tag{2}
$$

em que $ProbRep$ é um real de 0 a 1, equivalente a uma escala de 0 a 100%.

Cada par (a, p) numa distribuição $d :: \text{Dist}\ a$ indica que a probabilidade de a é p, devendo ser garantida a propriedade de que todas as probabilidades de d somam 100%. Por exemplo, a seguinte distribuição de classificações por escalões de A a E,

A ▬ 2%
B ▬▬▬ 12%
C ▬▬▬▬▬▬▬▬ 29%
D ▬▬▬▬▬▬▬▬▬▬▬ 35%
E ▬▬▬▬▬▬▬ 22%

será representada pela distribuição

$$
\begin{array}{l}
d1 :: \text{Dist}\ Char \\
d1 = D\ [('\texttt{A}', 0.02), ('\texttt{B}', 0.12), ('\texttt{C}', 0.29), ('\texttt{D}', 0.35), ('\texttt{E}', 0.22)]
\end{array}
$$

que o GHCi mostrará assim:

```
'D'  35.0%
'C'  29.0%
'E'  22.0%
'B'  12.0%
'A'   2.0%
```

É possível definir geradores de distribuições, por exemplo distribuições *uniformes*,

$$
d2 = uniform\ (words\ \texttt{"Uma frase de cinco palavras"})
$$

isto é

```
   "Uma"  20.0%
 "cinco"  20.0%
    "de"  20.0%
 "frase"  20.0%
"palavras"  20.0%
```

distribuição *normais*, eg.

$$d3 = normal\ [10\,..\,20]$$

etc.[1] Dist forma um **mónade** cuja unidade é $return\ a = D\ [(a,1)]$ e cuja composição de Kleisli é (simplificando a notação)

$$(f \bullet g)\ a = [(y, q*p)\ |\ (x,p) \leftarrow g\ a, (y,q) \leftarrow f\ x]$$

em que $g : A \to$ Dist B e $f : B \to$ Dist C são funções **monádicas** que representam *computações probabilísticas*.

Este mónade é adequado à resolução de problemas de *probabilidades e estatística* usando programação funcional, de forma elegante e como caso particular da programação monádica.

F Código fornecido

Problema 1

Árvores exemplo:

```
t1 :: BTree Int
t1 = Node (5,(Node (3,(Node (1,(Empty,Empty)),Node (4,(Empty,Empty)))),
   Node (7,(Node (6,(Empty,Empty)),Node (8,(Empty,Empty))))))
t2 :: BTree Int
t2 =
   node 1
      (node 2 (node 4 Empty Empty) (node 5 Empty Empty))
      (node 3 (node 6 Empty Empty) (node 7 Empty Empty))
t3 :: BTree Char
t3 =
   node 'A'
      (node 'B' (node 'C' (node 'D' Empty Empty) Empty) Empty)
      (node 'E' Empty Empty)
t4 :: BTree Char
t4 =
   node 'A'
      (node 'B' (node 'C' (node 'D' Empty Empty) Empty) Empty)
      Empty
t5 :: BTree Int
t5 =
   node 1
```

[1] Para mais detalhes ver o código fonte de Probability, que é uma adaptação da biblioteca PFP ("Probabilistic Functional Programming"). Para quem quiser saber mais recomenda-se a leitura do artigo [**?**].

$(node\ 2\ (node\ 4\ Empty\ Empty)\ Empty)$
$(node\ 3\ Empty\ (node\ 5\ (node\ 6\ Empty\ Empty)\ Empty))$

$node\ a\ b\ c = Node\ (a,(b,c))$

G Soluções dos alunos

Os alunos devem colocar neste anexo as suas soluções para os exercícios propostos, de acordo com o "layout" que se fornece. Não podem ser alterados os nomes ou tipos das funções dadas, mas pode ser adicionado texto ao anexo, bem como diagramas e/ou outras funções auxiliares que sejam necessárias.

Importante: Não pode ser alterado o texto deste ficheiro fora deste anexo.

Problema 1

Catamorfismo

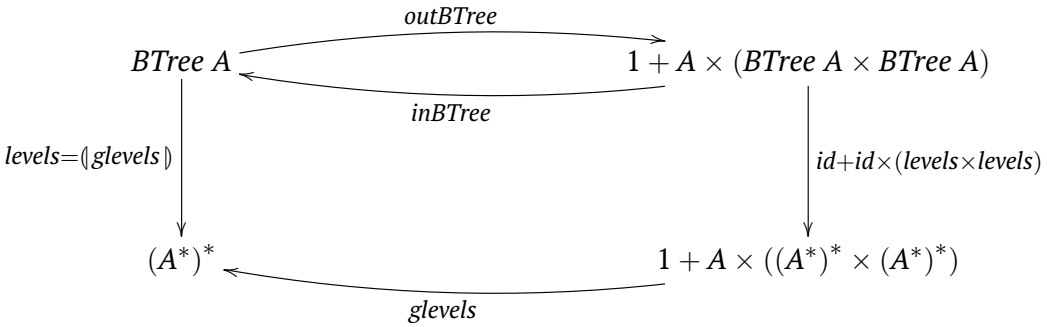
Na primeira versão proposta para a resolução do **Problema 1**, pretende-se usar um catamorfismo de *BTrees* para se fazer a travessia *in-order* em regime *breadth-first*.

Se repararmos, o resultado de aplicarmos a função *levels* a uma *BTree* é uma lista de listas, onde cada uma dessas listas internas corresponde aos valores dos nós de um nível da árvore. Ou seja, a aplicação de *levels* à árvore t_1, por exemplo, resulta na lista de listas:

$$[[5],[3,7],[1,4,6,8]]$$

Para depois obter a travessia *bforder*, basta concatenar todas as listas internas, o que é feito na função *bfsLevels* com recurso à função *concat*.

O desafio aqui está em encontrar o gene (*glevels*) do catamorfismo *levels*. Para começar, podemos representar esse catamorfismo através do seguinte diagrama:



A partir deste diagrama, percebemos que o gene do catamorfismo deverá, para obter a tal lista de listas, colocar o valor da raiz no início da lista final, seguido das listas dos níveis das subárvores esquerda e direita. Contudo essas listas dos níveis das subárvores estão também organizadas por níveis, ou seja, a primeira lista corresponde ao nível 1, a segunda ao nível 2, etc. No caso da àrvore t_1, por exemplo, a aplicação de *levels* às subárvores esquerda e direita de t_1 resulta, respectivamente, nas listas de listas:

$$[[3],[1,4]]\ e\ [[7],[6,8]]$$

Neste caso o passo final seria juntar as listas dos níveis das subárvores esquerda e direita, e colocar o valor da raiz 5 ($[5]$) no início da lista final. Para juntar as listas dos níveis das subárvores esquerda e direita, podemos definir a seguinte função auxiliar:

$$
\begin{aligned}
&\mathit{juntaListas} :: ([[a]],[[a]]) \to [[a]] \\
&\mathit{juntaListas}\ (l,[\,]) = l \\
&\mathit{juntaListas}\ ([\,],r) = r \\
&\mathit{juntaListas}\ ((a:as),(b:bs)) = (a +\!\!+ b) : \mathit{juntaListas}\ (as,bs)
\end{aligned}
$$

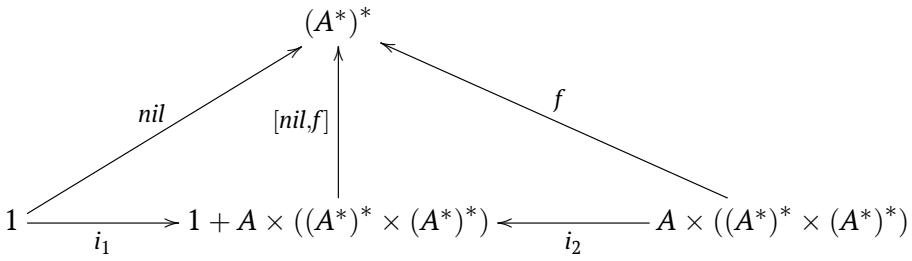
Para o exemplo da árvore t_1, a aplicação de *juntaListas* às listas de listas

$$[[3],[1,4]]\ e\ [[7],[6,8]]$$

resulta na lista de listas:

$$[[3,7],[1,4,6,8]]$$

Assim sendo, o comportamento do gene *glevels* pode ser representado por este diagrama:

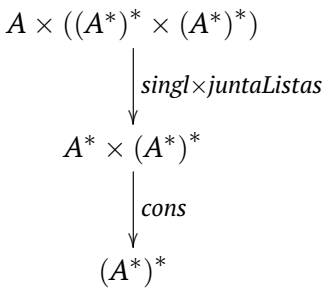


E o código que define o gene *glevels* é o seguinte:

$$
\begin{aligned}
&\mathit{glevels} :: () + (a,([[a]],[[a]])) \to [[a]] \\
&\mathit{glevels} = [\mathit{nil}, f] \\
&\quad \textbf{where}\ f\ (a,(l,r)) = [a] : \mathit{juntaListas}\ (l,r)
\end{aligned}
$$

Tal como descrito anteriormente, f coloca o valor da raiz à cabeça da lista, seguido da concatenação das listas dos níveis das subárvores esquerda e direita, com a função *juntaListas*.

Se quisermos definir *glevels* numa versão completamente *pointfree*, podemos esquematizar o lado direito da solução desta forma:



Logo a definição *pointfree* de *glevels* é a seguinte:

$$\mathit{glevels}' = [\mathit{nil}, \mathit{cons} \cdot (\mathit{singl} \times \mathit{juntaListas})]$$

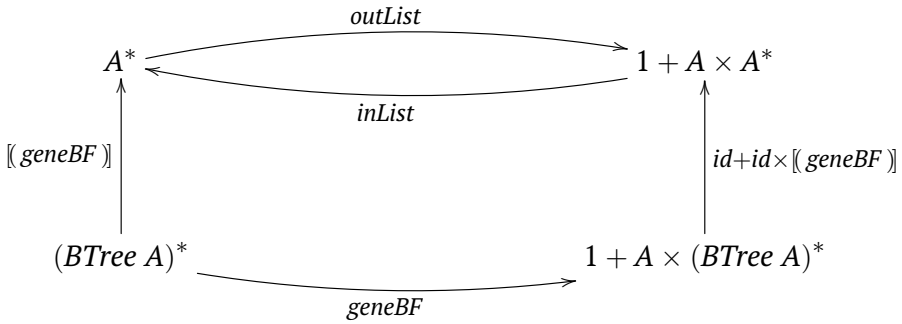
Anamorfismo

Na segunda versão proposta para a resolução do **Problema 1**, pretende-se usar um anamorfismo de listas para se fazer a travessia *in-order* em regime *breadth-first*.

Com o estudo do artigo [2], percebemos que é possível fazer a travessia *breadth-first* em *BTrees* usando uma floresta para representar os nós a visitar (neste caso uma floresta é uma lista de *BTrees*).

A ideia do algoritmo é visitar os nós da floresta, retirando o valor do nó da frente da lista, adicionando o seu valor à lista resultado (caso não seja *Empty*) e adicionando à floresta os filhos esquerdo e direito do nó visitado (caso não seja *Empty*), mas colocando-os no final da lista. Este processo repete-se até que a floresta esteja vazia.

Para representar este algoritmo como um anamorfismo, começamos por desenhar o seguinte diagrama:



Contudo, como referido anteriormente, o algoritmo usa uma floresta (lista de *BTrees*), e não um *BTree*, que é o input da função *bft*. Desta forma é necesário garantir que a *BTree* argumento seja convertida numa floresta, para poder ser usada no anamorfismo. Para isso, usamos a função *singl*, que transforma uma *BTree* numa floresta com apenas essa *BTree* (lista com apenas um elemento).

$$BTree\ A \xrightarrow{\quad singl \quad} (BTree\ A)^*$$

Assim sendo, a função *bft* é definida como a composição do anamorfismo $[\!(geneBF)\!]$ com a função *singl*, como se mostra a seguir:

$$bft = [\!(geneBF)\!] \cdot singl$$

Para o gene do anamorfismo, o comportamento é o já anteriormente descrito, ou seja, visitar os nós da floresta, retirando o valor do nó da frente da lista, e devolvendo um par com o valor do nó e a floresta a visitar. Na floresta a visitar, já estarão adicionados os filhos esquerdo e direito do nó visitado (caso não seja *Empty*), colocados no final da lista. O anamorfismo repete este processo até que a floresta esteja vazia.

$$\begin{aligned}
&geneBF :: [BTree\ a] \to () + (a, [BTree\ a]) \\
&geneBF\ [\,] = i_1\ () \\
&geneBF\ (Empty : t) = geneBF\ t \\
&geneBF\ (Node\ (a,(l,r)) : t) = i_2\ (a, t +\!\!+ [l,r])
\end{aligned}$$

Problema 2

No **Problema 2**, o objetivo é derivarmos a função f, que calcula o seno hiperbólico de x, $sinh\ x$, para n aproximações da sua série de Taylor, a partir da série de Taylor de $sinh\ x$ que é dada por:

$$sinh\ x = \sum_{n=0}^{\infty} \frac{x^{2n+1}}{(2n+1)!} = x + \frac{x^3}{3!} + \frac{x^5}{5!} + \ldots$$

No nosso caso, iremos utilizar uma aproximação com n termos da série de Taylor, ou seja:

$$sinh\ x\ n = \sum_{i=0}^{n-1} \frac{x^{2i+1}}{(2i+1)!}$$

A derivação para a função f é necessária pois no caso de definirmos $sinh\ x\ n$ diretamente de forma recursiva

$$sinh\ x\ 0 = x$$
$$sinh\ x\ (n+1) = (x \uparrow (2 * (n+1) + 1)) \ /\ (2 * (n+1) + 1)! + sinh\ x\ n$$

e fazendo os cálculos temos

$$sinh\ x\ 0 = x$$
$$sinh\ x\ (n+1) = (x \uparrow (2 * n + 3)) \ /\ (2 * n + 3)! + sinh\ x\ n$$

verificamos que esta definição não é eficiente, já que em cada passo recursivo é necessário calcular $x \uparrow (2 * n + 3)$ e $(2 * n + 3)!$, o que não se verifica em f, pois com o *loop*, os valores do vetor inicial $start\ x = [x, x \uparrow 3, 6, 20, 22]$ são atualizados em cada iteração de forma linear, evitando cálculos desnecessários.

Com o estudo da secção da Lei da Recursividade Mútua no livro do professor J.N.Oliveira [3], entendemos que devíamos partir o problema em duas funções recursivas, uma referente ao numerador da fração de $sinh\ x\ n$ e outra referente ao denominador, de forma a podermos aplicar a lei da recursividade mútua. Assim sendo, poderiamos definir $sinh\ x\ n$ como uma soma da seguinte forma:

$$soma\ x\ 0 = x$$
$$soma\ x\ (n+1) = num\ x\ (n+1)\ /\ den\ x\ (n+1) + soma\ x\ n$$

onde $num\ x\ n$ calcula o numerador $x \uparrow (2 * n + 1)$ e $den\ x\ n$ calcula o denominador $(2 * n + 1)!$.

Para o numerador, podemos descobrir qual é a diferença entre dois termos consecutivos fazendo a seguinte análise:

$$\frac{num_{n+1}}{num_n} = \frac{x^{2(n+1)+3}}{x^{2n+3}} = \frac{x^{2n+5}}{x^{2n+3}} = x^2$$

ou seja, o próximo termo do numerador é obtido multiplicando o termo atual por x^2. Podemos concluir que o numerador pode ser definido recursivamente da seguinte forma:

$$num\ x\ 1 = x \uparrow 3$$
$$num\ x\ (n+1) = x \uparrow 2 * num\ x\ n$$

Para o denominador, podemos descobrir qual é a diferença entre dois termos consecutivos fazendo a seguinte análise:

$$\frac{den_{n+1}}{den_n} = \frac{(2(n+1)+3)!}{(2n+3)!} = \frac{(2n+5)!}{(2n+3)!} = (2n+5)(2n+4)$$

ou seja, o próximo termo do denominador é obtido multiplicando o termo atual por $(2n+5)(2n+4)$. Podemos concluir que o denominador pode ser definido recursivamente da seguinte forma:

$$den\ x\ 1 = 3! = 6$$
$$den\ x\ (n+1) = (2\ n+5)\ (2\ n+4) * den\ x\ n$$

Contudo, esta definição recursiva do denominador ainda depende de n, o que não é desejável, por isso, é necessário simplificá-la até não dependa de n. Para isso, faça-se

$$j\ x\ n = (2\ n+5) * (2\ n+4)$$

tal como é feito no livro do professor.

Para descobrirmos a diferença entre dois termos consecutivos, fazemos a seguinte análise:

$$j_{n+1} - j_n = (2(n+1)+5)(2(n+1)+4) - (2n+5)(2n+4) = 8n+22$$

ou seja, o próximo termo de j é obtido somando ao termo atual $8n+22$. Podemos concluir que j pode ser definida recursivamente da seguinte forma:

$$j\ x\ 0 = 20$$
$$j\ x\ (n+1) = (8 * n+22) + j\ x\ n$$

Mais uma vez, esta definição recursiva de j ainda depende de n, o que não é desejável, por isso, voltamos a repetir o processo até não depender de n. Para isso, faça-se

$$m\ x\ n = 8 * n+22$$

Para descobrirmos a diferença entre dois termos consecutivos, fazemos a seguinte análise:

$$m_{n+1} - m_n = 8(n+1)+22-(8n+22) = 8$$

ou seja, o próximo termo de m é obtido somando ao termo atual 8. Podemos concluir que m pode ser definida recursivamente da seguinte forma:

$$m\ x\ 0 = 22$$
$$m\ x\ (n+1) = 8 + m\ x\ n$$

Agora que m tem uma definição recursiva que não depende de n, podemos aplicar a lei da recursividade mútua, de forma a obter a definição de f.

Recapitulando todas as funções que foram definidas nesta derivação temos:

$$soma\ x\ 0 = x$$
$$soma\ x\ (n+1) = num\ x\ (n+1)\ /\ den\ x\ (n+1) + soma\ x\ n$$

$$num\ x\ 1 = x \uparrow 3$$
$$num\ x\ (n+1) = x \uparrow 2 * num\ x\ n$$

$$den\ x\ 1 = 3! = 6$$
$$den\ x\ (n+1) = (2\ n+5)\ (2\ n+4) * den\ x\ n$$

$$j\ x\ 0 = 20$$
$$j\ x\ (n+1) = (8 * n+22) + j\ x\ n$$

$$m\ x\ 0 = 22$$
$$m\ x\ (n+1) = 8 + m\ x\ n$$

E com estas funções, podemos reconstruir *soma* da seguinte forma:

$$m\ x\ 0 = 22$$
$$m\ x\ (n+1) = 8 + m\ x\ n$$

$$j'\ x\ 0 = 20$$
$$j'\ x\ (n+1) = m\ x\ n + j'\ x\ n$$

$$den'\ x\ 1 = 3! = 6$$
$$den'\ x\ (n+1) = j'\ x\ n * den'\ x\ n$$

$$soma'\ x\ 0 = x$$
$$soma'\ x\ (n+1) = num\ x\ (n+1)\ /\ den'\ x\ (n+1) + soma'\ x\ n$$

E pela lei da recursividade mútua, podemos escrever *soma* como:

$$soma''\ x\ n = s\ \textbf{where}$$
$$(s, \_, \_, \_, \_) = aux\ x\ n$$
$$aux\ x\ 0 = (x, x \uparrow 3, 6, 20, 22)$$
$$aux\ x\ (n+1) = \textbf{let}\ (s, num, den, j', m) = aux\ x\ n\ \textbf{in}\ (s + num\ /\ den, x \uparrow 2 * num, den * j', j' + m, m + 8)$$

Tal como é dito no livro, *aux* é um *loop*, onde $aux\ 0$ corresponde ao valor inicial e $aux\ (n+1)$ corresponde à atualização dos valores em cada iteração do *loop*.

Desta forma, adaptando a notação usada no livro do professor, conseguimos definir *start x* e *loop x* como:

$$start\ x = [x, x \uparrow 3, 6, 20, 22]$$

$$loop\ x\ [s, num, den, j', m] = [s + num\ /\ den, x \uparrow 2 * num, den * j', j' + m, m + 8]$$

Trocando o nome de algumas funções, temos o *loop* como:

$$loop\ x\ [s, h, k, j', m] = [s + h\ /\ k, x \uparrow 2 * h, k * j, j + m, m + 8]$$

Na variável *s* está o valor acumulado da soma, ou seja, o cálculo de *sinh x n*, pelo que basta fazer *head* do resultado do *loop* após *n* iterações, para obter o valor final de *sinh x n*.

Fica assim derivada a função f como pedido no enunciado.

Problema 3

No **Problema 3**, pretende-se definir a função *fair_merge* como um anamorfismo de *Streams*. Esta estratégia de *merging* permite que os elementos das duas *Streams* sejam intercalados de forma justa, ou seja, cada elemento de uma *Stream* é seguido por um elemento da outra *Stream*.

Tal como pedido no enunciado, vamos começar por derivar a lei dual da recursividade mútua.

$$
\begin{aligned}
& [f,g] = [\!([h,k])\!] \\
\equiv & \quad \{ \text{ Universal-ana } \} \\
& \mathsf{out} \cdot [f,g] = \mathsf{F}\ [f,g] \cdot [h,k] \\
\equiv & \quad \{ \text{ Fusão- + (2x) } \} \\
& [\mathsf{out} \cdot f, \mathsf{out} \cdot g] = [\mathsf{F}\ [f,g] \cdot h, \mathsf{F}\ [f,g] \cdot k] \\
\equiv & \quad \{ \text{ Eq- + } \} \\
& \begin{cases} \mathsf{out} \cdot f = \mathsf{F}\ [f,g] \cdot h \\ \mathsf{out} \cdot g = \mathsf{F}\ [f,g] \cdot k \end{cases} \\
\square &
\end{aligned}
$$

Fica então demonstrada a lei dual da recursividade mútua.

A partir da definição do tipo *Stream* e da função out, é possível deduzir que o functor F associado a *Stream* é o seguinte,

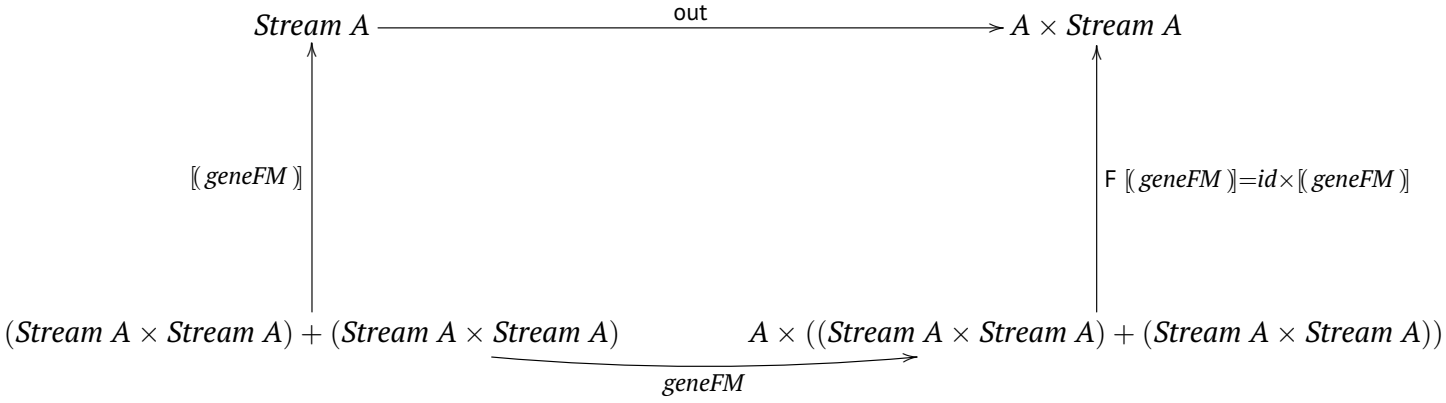
$$
\begin{aligned}
& \mathsf{F}\ X = A \times X \\
& \mathsf{F}\ g = id \times g
\end{aligned}
$$

já que uma *Stream A* é decomposta num par com o primeiro elemento de um tipo qualquer A e o resto da *Stream A*.

Tendo isto em conta, e sabendo que a função *fair_merge'* que queremos definir como um anamorfismo de *Streams* é do tipo

$$fair\_merge' :: (Stream\ a, Stream\ a) + (Stream\ a, Stream\ a) \to Stream\ a$$

podemos representar o anamorfismo *fair_merge'* através do seguinte diagrama:



Com a análise deste diagrama, e do comportamento da função *fair_merge* definida de forma mutuamente recursiva na formulação do problema neste enunciado

$$
\begin{aligned}
& fair\_merge :: (Stream\ a, Stream\ a) + (Stream\ a, Stream\ a) \to Stream\ a \\
& fair\_merge = [h,k]\ \textbf{where} \\
& \quad h\ (Cons\ (x,xs),y) = Cons\ (x,k\ (xs,y)) \\
& \quad k\ (x,Cons\ (y,ys)) = Cons\ (y,h\ (x,ys))
\end{aligned}
$$

conseguimos definir $fair\_merge'$ como um anamorfismo de *Streams*

$$fair\_merge' = [\!(\, geneFM \,)\!]$$

onde o gene $geneFM$ é definido como:

$$geneFM :: (Stream\ a, Stream\ a) + (Stream\ a, Stream\ a) \to (a, (Stream\ a, Stream\ a) + (Stream\ a, Stream\ a))$$
$$geneFM\ (i_1\ (Cons\ (x, xs), y)) = (x, i_2\ (xs, y))$$
$$geneFM\ (i_2\ (x, Cons\ (y, ys))) = (y, i_1\ (x, ys))$$

Para comprovar este resultado, podemos utilizar a lei dual da recursividade mútua que foi demonstrada anteriormente. Seja $fair\_merge$ dada por:

$$fair\_merge = [h, k]$$

E querendo demonstrar que $fair\_merge = [\!(\, geneFM \,)\!]$, onde $geneFM$ pode ser decomposto em:

$$geneFM = [g1, g2]$$

Tem-se:

$$\begin{array}{ll} & [h,k] = [\!(\, geneFM \,)\!] \\ \equiv & \quad \{\ \text{Lei dual da recursividade mútua}\ \} \\ & \begin{cases} \text{out} \cdot h = (id \times [h,k]) \cdot g1 \\ \text{out} \cdot k = (id \times [h,k]) \cdot g2 \end{cases} \\ \square & \end{array}$$

Para que estas equações sejam verdadeiras, é necessário encontrar $g1$ e $g2$ tais que as igualdades se verifiquem.

Vamos definir $g1$ e $g2$ como:

$$g1\ (Cons\ (x, xs), y) = (x, i_2\ (xs, y))$$
$$g2\ (x, Cons\ (y, ys)) = (y, i_1\ (x, ys))$$

Para a primeira equação, temos:

$$\begin{array}{ll} \equiv & \quad \{\ \text{Igualdade extensional}\ \} \\ & \text{out} \cdot h\ (Cons\ (x, xs), y) \\ \equiv & \quad \{\ \text{Def-comp}\ \} \\ & \text{out}\ (h\ (Cons\ (x, xs), y)) \\ \equiv & \quad \{\ \text{Def-h}\ \} \\ & \text{out}\ (Cons\ (x, k\ (xs, y))) \\ \equiv & \quad \{\ \text{Def-out}\ \} \\ & (x, k\ (xs, y)) \\ \equiv & \quad \{\ \text{Def-x, Cancelamento-+}\ \} \end{array}$$

$$
\begin{aligned}
& (id \times [h,k])\ (x, i_2\ (xs, y)) \\
\equiv & \quad \{\ \text{Def-g1}\ \} \\
& (id \times [h,k]) \cdot g1\ (Cons\ (x, xs), y) \\
\square &
\end{aligned}
$$

O mesmo aplica-se para a segunda equação:

$$
\begin{aligned}
\equiv & \quad \{\ \text{Igualdade extensional}\ \} \\
& \text{out} \cdot k\ (x, Cons\ (y, ys)) \\
\equiv & \quad \{\ \text{Def-comp}\ \} \\
& \text{out}\ (k\ (x, Cons\ (y, ys))) \\
\equiv & \quad \{\ \text{Def-k}\ \} \\
& \text{out}\ (Cons\ (y, h\ (x, ys))) \\
\equiv & \quad \{\ \text{Def-out}\ \} \\
& (y, h\ (x, ys)) \\
\equiv & \quad \{\ \text{Def-x, Cancelamento-+}\ \} \\
& (id \times [h,k])\ (y, i_1\ (x, ys)) \\
\equiv & \quad \{\ \text{Def-g2}\ \} \\
& (id \times [h,k]) \cdot g2\ (x, Cons\ (y, ys)) \\
\square &
\end{aligned}
$$

Com isto fica demonstrado que *fair_merge* se pode definir como um anamorfismo de *Streams*, ou seja, $fair\_merge = [\!(\ geneFM\ )\!]$, para o gene *geneFM* definido como $[g1, g2]$.

Para testar a função $fair\_merge'$, definimos a seguinte função auxiliar *takeStream* que permite extrair os primeiros n elementos de uma *Stream* e devolvê-los como uma lista.

$$
\begin{aligned}
& takeStream :: Int \to Stream\ a \to [a] \\
& takeStream\ 0\ \_ = [\,] \\
& takeStream\ n\ (Cons\ (x, xs)) = x : takeStream\ (n-1)\ xs
\end{aligned}
$$

Definimos também as seguintes *Streams* de exemplo:

$$
\begin{aligned}
& s1 :: Stream\ Int \\
& s1 = Cons\ (1, Cons\ (3, Cons\ (5, Cons\ (7, Cons\ (9, s1))))) \\
& s2 :: Stream\ Int \\
& s2 = Cons\ (2, Cons\ (4, Cons\ (6, Cons\ (8, Cons\ (10, s2)))))
\end{aligned}
$$

A aplicação de $takeStream\ 10\ (fair\_merge'\ (i_1\ (s1, s2)))$ resulta na lista:

$$[1,2,3,4,5,6,7,8,9,10]$$

refletindo a intercalação justa dos elementos das duas *Streams*, começando pela primeira.

A aplicação de $takeStream\ 10\ (fair\_merge'\ (i_2\ (s1, s2)))$ resulta na lista:

$$[2,1,4,3,6,5,8,7,10,9]$$

refletindo a intercalação justa dos elementos das duas *Streams*, começando pela segunda.

Problema 4

Introdução

De uma forma simples, o objetivo deste problema é desenhar uma função *transmitir* que descreve o comportamento de um aparelho de telegrafia avariado. Esse aparelho tenta transmitir uma mensagem palavra a palavra, mas pode falhar de forma aleatória: cada palavra pode perder-se durante a transmissão e, no final da mensagem, o envio do código "stop" também pode falhar.

Pretende-se que a função *transmitir* modele corretamente estas falhas, produzindo todas as mensagens possíveis, cada uma associada à respetiva probabilidade. Para tal, recorre-se a um catamorfismo probabilístico sobre listas, *pcataList*, cujo resultado é uma distribuição de probabilidades, representada pelo mónade Dist.

O comportamento local do aparelho é descrito por um *gene*, que define as decisões probabilísticas a tomar em cada passo da transmissão. A função $transmitir = pcataList\ gene$ separa, assim, o mecanismo genérico de percorrer a lista, do comportamento específico do aparelho.

Antes de apresentar a solução completa, achamos útil analisar cada componente que será usado para que, de seguida, a solução para o problema proposto seja mais fácil de perceber.

Uso de Dist

Para este problema, é necessário modelar a transmissão de mensagens, em que cada palavra pode falhar de forma aleatória. Para isso, precisamos de uma forma de representar todas as mensagens possíveis e associar a cada uma a sua probabilidade de ocorrência.

O mónade Dist faz exatamente isso:

$$\textbf{newtype}\ \text{Dist}\ a = D\ \{unD :: [(a, ProbRep)]\}$$

- Cada a é um possível valor (no caso, uma mensagem ou palavra transmitida).
- Cada *ProbRep* é a probabilidade desse valor ocorrer (um número real entre 0 e 1, sendo a soma total das probabilidades 1).

Dist forma um mónade porque:

- Tem uma operação return: $return\ a = D\ [(a, 1)]$, que gera uma distribuição determinística com probabilidade 1.
- Tem uma composição de Kleisli (bind »=): $(f \bullet g)\ a = [(y, q * p) \mid (x, p) \leftarrow g\ a, (y, q) \leftarrow f\ x]$, onde

  $g :: A \rightarrow$ `Dist B`

  e

  $f :: B \rightarrow$ `Dist C`

  são funções que representam computações probabilísticas.

Esta definição permite combinar automaticamente as probabilidades de múltiplas etapas de cálculo. Por exemplo, ao percorrer uma lista de palavras, o mónade Dist calcula todas as combinações possíveis de palavras transmitidas e perdidas, multiplicando as probabilidades associadas a cada passo, sem necessidade de ciclos explícitos ou cálculos manuais.

Desta forma, alterações no comportamento do *gene* propagam-se corretamente por toda a lista, sendo suficiente ajustar apenas as probabilidades associadas a cada decisão.

Uso de gene

O *gene* deverá descrever o comportamento local do aparelho de telegrafia. Para cada palavra, define quais são os resultados que podem ocorrer e com que probabilidades. Neste caso, deverá calcular o caso da perda de uma palavra ou o caso da perda da palavra final "stop".

Pode-se afirmar que o tipo do *gene* é:

$$gene :: () + (String, [String]) \to \text{Dist } [String]$$

já que o uso do $\cdot + \cdot$ permite separar de forma natural os dois casos distintos que surgem ao percorrer uma lista:

- **Lista vazia:** representada por $i_1\ ()$. Este caso corresponde ao fim da lista, permitindo decidir probabilisticamente se a transmissão termina corretamente ou se ocorre a falha de envio de "stop".
- **Lista não vazia:** representada por $i_2\ (x, y)$, onde x é a cabeça da lista (palavra atual) e y é o resultado já processado da cauda. Este caso permite combinar a palavra atual com todos os resultados possíveis da cauda, aplicando as regras probabilísticas definidas.

Desta forma, o *gene* consegue tratar de forma modular e uniforme tanto o caso base da lista, quanto a transmissão de cada palavra individual, sem que a função de percorrer a lista (*pcataList*) precise de conhecer detalhes do comportamento probabilístico como: as probabilidades definidas ou possíveis decisões probabilísticas complexas (por exemplo, múltiplas opções para cada palavra ou eventos condicionais).

Uso de pcataList

O catamorfismo *pcataList* percorre a lista de palavras de forma recursiva, aplicando a função *gene* a cada passo. Esta abordagem permite separar a lógica de percorrer a lista, da lógica de transmissão probabilística, tornando o comportamento do aparelho mais fácil de modelar. Sabendo a declaração de *pcataList* (dada no enunciado):

$$pcataList :: (() + (a, b) \to \text{Dist } b) \to [a] \to \text{Dist } b$$

E embora a sua definição não seja dada explicitamente, o seu comportamento pode ser compreendido observando a analogia direta com o catamorfismo determinístico $(\!|\cdot|\!)$.

Como:

$$(\!|g|\!) = g \cdot recList\ (\!|g|\!) \cdot outList$$

outList desconstrói a lista (vazia ou cabeça+cauda) e *recList* aplica recursivamente o catamorfismo à cauda. No caso determinístico, cada passo devolve apenas um valor, que é então combinado por g.

No caso probabilístico, *pcataList* funciona de forma análoga, mas cada chamada recursiva produz uma distribuição de resultados, em vez de um único valor. Assim:

- **Caso base:** a lista é vazia, não há valores intermédios a combinar, e o resultado é obtido aplicando diretamente o *gene* a `Left ()`.
- **Caso recursivo:** a chamada *pcataList gene xs* devolve uma distribuição de resultados da cauda. Cada valor desta distribuição deve ser processado pelo *gene* novamente, combinando as probabilidades corretamente.

Esta combinação de resultados intermédios segue exatamente o padrão de composição monádica, pelo que é necessário usar a operação $\gg=$ do mónade Dist. O *bind* permite propagar automaticamente

as probabilidades de cada passo, replicando o comportamento de $(\!|\cdot|\!)$ num contexto probabilístico. Aplicando este raciocínio ao caso base e ao caso recursivo, obtemos a definição de *pcataList*:

$$
\begin{aligned}
&\mathit{pcataList}\ \mathit{gene}\ [\,] = \mathit{gene}\ (i_1\ ()) \\
&\mathit{pcataList}\ \mathit{gene}\ (x : xs) = \mathbf{do} \\
&\quad y \leftarrow \mathit{pcataList}\ \mathit{gene}\ xs \\
&\quad \mathit{gene}\ (i_2\ (x, y))
\end{aligned}
$$

Que pode ser expandida removendo a notação 'do' e usando o operador *bind* diretamente:

$$
\begin{aligned}
&\mathit{pcataList}\ \mathit{gene}\ [\,] = \mathit{gene}\ (i_1\ ()) \\
&\mathit{pcataList}\ \mathit{gene}\ (x : xs) = \\
&\quad \mathit{pcataList}\ \mathit{gene}\ xs \gg\!= \lambda y \rightarrow \\
&\quad \mathit{gene}\ (i_2\ (x, y))
\end{aligned}
$$

Em ambas as definições:

- No caso da lista ser vazia, *gene* recebe $i_1\ ()$, permitindo decidir probabilisticamente se o processo termina.
- No caso da lista não ser vazia, a cauda da lista é processada primeiro de forma recursiva, produzindo *y*, que representa todas as distribuições intermédias da cauda. Cada um desses resultados é então combinado com a cabeça *x* através de $\mathit{gene}\ (i_2\ (x, y))$, propagando corretamente as probabilidades de cada passo.

Para ilustrar o seu funcionamento, considere a mensagem:

["hi","hi again","bye"]

A aplicação de *pcataList gene* a esta lista é definida recursivamente, seguindo a estrutura do catamorfismo sobre listas. Os passos da execução, são:

- **Passo 1: lista completa ["hi","hi again","bye"]**

$$
\begin{aligned}
&\mathit{pcataList}\ \mathit{gene}\ [\texttt{"hi"}, \texttt{"hi again"}, \texttt{"bye"}] = \mathbf{do} \\
&\quad y \leftarrow \mathit{pcataList}\ \mathit{gene}\ [\texttt{"hi again"}, \texttt{"bye"}]; \\
&\quad \mathit{gene}\ (i_2\ (\texttt{"hi"}, y))
\end{aligned}
$$

  O valor *y* representa uma distribuição de todos os resultados possíveis da cauda ["hi again","bye"].

- **Passo 2: cauda ["hi again","bye"]**

$$
\begin{aligned}
&\mathit{pcataList}\ \mathit{gene}\ [\texttt{"hi again"}, \texttt{"bye"}] = \mathbf{do} \\
&\quad \mathit{y1} \leftarrow \mathit{pcataList}\ \mathit{gene}\ [\texttt{"bye"}]; \\
&\quad \mathit{gene}\ (i_2\ (\texttt{"hi again"}, \mathit{y1}))
\end{aligned}
$$

  Cada resultado y_1 da chamada à cauda anterior é combinado com "hi again" através do *gene*, propagando todas as combinações possíveis com as probabilidades corretas.

- **Passo 3: cauda ["bye"]**

$$
\begin{aligned}
&\mathit{pcataList}\ \mathit{gene}\ [\texttt{"bye"}] = \mathbf{do} \\
&\quad \mathit{y2} \leftarrow \mathit{pcataList}\ \mathit{gene}\ [\,]; \\
&\quad \mathit{gene}\ (i_2\ (\texttt{"bye"}, \mathit{y2}))
\end{aligned}
$$

  Cada resultado y_2 do caso base é combinado com "bye" através do *gene*, multiplicando as probabilidades de cada etapa.

- **Passo 4: caso base []**

  $$pcataList\ gene\ [\,] = gene\ (i_1\ ())$$

  Produz a distribuição inicial que representa as possíveis terminações da mensagem, de acordo com o comportamento probabilístico do *gene*.

A partir deste caso base, o catamorfismo combina sucessivamente cada palavra com todos os resultados possíveis da sua cauda, multiplicando as probabilidades locais. Deste modo, o valor

$$pcataList\ gene\ [\texttt{"hi"}, \texttt{"hi again"}, \texttt{"bye"}]$$

corresponde a uma única distribuição final que contém todas as mensagens possíveis resultantes da transmissão, já com as probabilidades corretamente combinadas.

Definição de gene

Depois de analisados os três componentes principais desta solução — o mónade Dist, o comportamento encapsulado pelo *gene* e o catamorfismo *pcataList* —, a definição do *gene* torna-se natural.

- Para o caso da lista ser vazia ($i_1\ ()$), que corresponde ao fim da transmissão, podemos definir uma probabilidade de 90% de enviar corretamente a palavra final "stop" e de 10% de falhar.
- Para o caso da lista não ser vazia ($i_2\ (x, y)$), cada palavra x tem uma probabilidade de 95% de ser transmitida, enquanto que os restantes 5% representam a perda da palavra.

Assim, fica-se com:

$$\begin{aligned} &gene :: () + (String, [String]) \to \text{Dist}\ [String] \\ &gene\ (i_1\ ()) = D\ [([\texttt{"stop"}], 0.9), ([\,], 0.1)] \\ &gene\ (i_2\ (x, ys)) = D\ [(x : ys, 0.95), (ys, 0.05)] \end{aligned}$$

Cálculo das soluções

Tendo *gene* definido, basta correr no interpretador *transmitir* $[\texttt{"Vamos"}, \texttt{"atacar"}, \texttt{"hoje"}]$ para calcular as probabilidades de todas as possíveis frases transmitidas. Fazendo isso, obtêve-se:

Mensagem transmitida	Probabilidade
["Vamos","atacar","hoje","stop"]	77.2%
["Vamos","atacar","hoje"]	8.6%
["Vamos","atacar","stop"]	4.1%
["Vamos","hoje","stop"]	4.1%
["atacar","hoje","stop"]	4.1%
["Vamos","atacar"]	0.5%
["Vamos","hoje"]	0.5%
["atacar","hoje"]	0.5%
["Vamos","stop"]	0.2%
["atacar","stop"]	0.2%
["hoje","stop"]	0.2%
["atacar"]	0.0%
["hoje"]	0.0%
["Vamos"]	0.0%
["stop"]	0.0%
[]	0.0%

Assim, observando os resultados obtidos, é possível responder às questões propostas:

- Qual a probabilidade da palavra "atacar" da mensagem se perder? **É de 4.1%.**
- Qual a probabilidade de seguirem todas as palavras, mas faltar o "stop"? **É de 8.6%.**
- Qual a probabilidade da transmissão ser perfeita? **É de 77.2%.**

Verificação das soluções

Tal como feito em alguns dos problemas anteriores, decidimos que seria interessante testar os resultados a que chegamos neste problema também. Para isto, aplicando conhecimento de Elementos de Probabilidades adquiridos ao longo do curso, fizemos:

Tendo em conta as probabilidades dadas no enunciado do problema:

- Seja $P(w)$ a probabilidade da palavra w ser transmitida, com $P(w) = 0.95$.
- Seja P(não transmitir "stop") a probabilidade de não transmitir "stop" no fim da mensagem, com P(não transmitir "stop") = 0.1

  E sabendo que:

- A probabilidade $P(m)$ é a probabilidade da mensagem transmitida ser m.

Pode-se calcular as probabilidades dos casos pedidos:

- **1-** Qual a probabilidade da palavra "atacar" da mensagem se perder?

  Sabendo que a mensagem transmitida neste caso seria:

  m1 = ["Vamos","hoje","stop"]

$$\begin{aligned} P(m1) &= P(\text{“Vamos”}) \times (1 - P(\text{“atacar”})) \times P(\text{“hoje”}) \times (1 - P(\text{não transmitir “stop”})) \\ &= 0.95 \times 0.05 \times 0.95 \times 0.9 \\ &= 0.0406125 \approx 0.041 = 4.1\% \end{aligned}$$

- **2-** Qual a probabilidade de seguirem todas as palavras, mas faltar o "stop"?

  Sendo a mensagem transmitida:

  m2 = ["Vamos","atacar","hoje"]

$$\begin{aligned} P(m2) &= P(\text{“Vamos”}) \times P(\text{“atacar”}) \times P(\text{“hoje”}) \times P(\text{não transmitir “stop”}) \\ &= 0.95 \times 0.95 \times 0.95 \times 0.1 \\ &= 0.0857375 \approx 0.086 = 8.6\% \end{aligned}$$

- **3-** Qual a probabilidade da transmissão ser perfeita?

  Neste caso, a mensagem transmitida seria:

  m3 = ["Vamos","atacar","hoje","stop"]

$$\begin{aligned} P(m3) &= P(\text{“Vamos”}) \times P(\text{“atacar”}) \times P(\text{“hoje”}) \times (1 - P(\text{não transmitir “stop”})) \\ &= 0.95 \times 0.95 \times 0.95 \times 0.9 \\ &= 0.7716375 \approx 0.772 = 77.2\% \end{aligned}$$

Logo, por comparação dos resultados obtidos a partir do interpretador e das soluções calculadas, pode-se concluir que as funções usadas funcionam de acordo com o desejado.

Index

References

[1] D.E. Knuth. *Literate Programming*. CSLI Lecture Notes Number 27. Stanford University Center for the Study of Language and Information, Stanford, CA, USA, 1992.

[2] Chris Okasaki. Breadth-first numbering: lessons from a small exercise in algorithm design. In Martin Odersky and Philip Wadler, editors, *Proceedings of the Fifth ACM SIGPLAN International Conference on Functional Programming (ICFP '00), Montreal, Canada, September 18-21, 2000*, pages 131–136. ACM, 2000.

[3] J.N. Oliveira. Program Design by Calculation, 2024. Draft of textbook in preparation. First version: 1998. Current version: Sep. 2024. Informatics Department, University of Minho (pdf).